

SEQ ID NO:04  
SEQ ID NO:12  
SEQ ID NO:29

\*\* \* \* \* \* \*  
 MATTTSATTA AAAA-----ATTAKPRGSSSALCQVAGGRR-----RSGVVRCDAAAG  
 MAVSTTFSGAKLEALLKCSSSSSPRRSS--FTTFPGQNRRLIQ--RGVIRCDAAQP  
 MAVSTSFPGAKLEALLKCGSSNAATATATTTHLSCFC-KTRKTLVQSQRPIRCEASS  
 1 60

SEQ	ID	NO:04
SEQ	ID	NO:12
SEQ	ID	NO:29

\* \* \* \* \*

V-EAQQA VAKAA SVAALEQFKISA-DRYMKERSTIAVIGLSVHTAPVEMREKLA VA EEL  
-SDASSVPNNATALSALQLKTSAADRYTKERSIIAIGLSVHTAPVEMREKLAIPEAE  
ASDVVADATKKAA SVSALQLKTSAADRYTKERS SVMVIGLSVHSTPVMREKLA IPEAE

61 120

SEQ	ID	NO:04
SEQ	ID	NO:12
SEQ	ID	NO:29

\*\*\*\*\*  
 WPRAIQELTSLNHIIEAAVLSTCNRMEIYVVALSWNRGIREVVDWMSKKSGIPASELREH  
 WPRAIAELCSLNHIIEAAVLSTCNRMEIYVVALSQHRGVKEVMEWMSKTSVPVSELSQH  
 WPRAIAELCSLNHIIEAAVLSTCNRMEIYVVALSKHRGVKEVTEWMSKTSGIPVADLCQH  
 121 180

SEQ	ID	NO:04
SEQ	ID	NO:12
SEQ	ID	NO:29

```

* * * * *
LFILRSSDATRHLFEVSAGLDSLVLGEGQILAQVKQVVRSGQNSGGLGKNIDRMFKDAIT
RFLLYNNDATQHLFEVSAGLDSLVLGEGQILSQVKQVKVGQVNGFGFRNISGLFKKHAIT
QFLLYNKDATQHLFEVSAGLDSLVLGEGQILAQVKQVKVGQVNGFGFRNISGLFKKHAIT
181
240

```

SEQ	ID	NO:04
SEQ	ID	NO:12
SEQ	ID	NO:29

\*\*\*\*\*  
 AGKRVRSSTNISSGAVSVSSAAVELALMKLPKSEALSARMLLIGAGKMGKLVIKHLVAKG  
 VGKRVRTETNIIASGAVSVSSAAVELAYMKLPEASHDNARMLVIGAGKMGKLVIKHLVAKG  
 VGKRVRTETNIIAAGAVSVSSAAVELALMKLPKSEASHANARMLVIGAGKMGKLVIKHLVAKG  
 241 300

**FIGURE 1 CONTINUED**

301

361

421

481

541

## FIGURE 2

[illegible]

**FIGURE 2 CONTINUED**

SEQ	ID	NO:26
SEQ	ID	NO:30

SEQ	ID	NO:26
SEQ	ID	NO:30